

# Генетическая история аборигенов Австралии и Новой Гвинеи

Полные геномы указали на раннее отделение австралийской ветви от евразийской

**Полное секвенирование геномов 83 австралийских аборигенов и 25 жителей Папуа Новая Гвинея позволило исследователям реконструировать историю заселения этой части света в пространстве и во времени. Они подтвердили, что предки австралийских аборигенов и папуасов Новой Гвинеи очень рано отделились от предков материковой Евразии. На ключевой вопрос о том, сколько раз человечество выходило из Африки – один или два, авторы отвечают с осторожностью. Большая часть их аргументов склоняет чашу весов к модели одного выхода, однако тот вариант, что их могло быть два, исследователи не отвергают.**

В том же номере Nature, что и «полногеномные» статьи [группы Дэвида Райха](#) и [эстонской группы](#), опубликована статья коллектива под руководством профессора Эске Виллерслева (Eske Willerslev) из Centre for GeoGenetics в Копенгагене, Дания, в которой также анализируются полностью прочитанные геномы, но не разных популяций по миру, а 83 австралийских аборигенов и 25 жителей Папуа Новая Гвинея. Это позволило авторам предложить довольно подробную схему заселения Сахула (так называют древний материк, который до последнего оледенения объединял Австралию, Новую Гвинею и Тасманию).

Процесс заселения Сахула остается одним из самых дискуссионных вопросов в картине освоения человеком планеты после выхода из Африки. Очевидно, что этот регион относится к самым древним местам проживания — по археологическим свидетельствам люди обитали там еще 47-55 тыс. лет назад. По общему мнению специалистов, после этого они находились в длительной изоляции, вплоть до позднего голоцена, когда появились контакты населения Сахула с Южной Азией. Скорее всего, это были миграции из Индии, которые принесли в Австралию собаку динго и технологию микролитов – миниатюрных каменных орудий.

Проблема происхождения австралийских аборигенов и папуасов Новой Гвинеи исследовалась и в двух упомянутых выше «полногеномных» работах. В статье эстонских исследователей, [обзор которой представлен на сайте](#), предполагается, что хотя на 98% предки австралийцев и папуасов те же, что и прочих неафриканцев, 2% в их геноме занимает вклад более ранней миграции из Африки, которая предшествовала основной. Но в [статье команды Райха](#) с исследованием сходного количества полных геномов эта гипотеза не находит подтверждения.

Что же показало целенаправленное исследование австрало-папуасских геномов, проведенное командой Виллерслева?

Исследователям удалось секвенировать 83 генома австралийских аборигенов с покрытием 60x (это высокая степень надежности). Это выдающийся результат, потому что до сих пор австралийские геномы были очень мало исследованы из-за чрезвычайно строгих правил, действующих в Австралии в отношении изучения аборигенов. В ходе данной работы профессор Виллерслев лично посетил местные племена, чтобы получить у них согласие на исследование образцов ДНК.



Профессор Виллерслев (слева) беседует со старейшинами австралийских аборигенов. Credit: Preben Hjort, Magus Film.

Образцы были собраны из разных регионов, с учетом географического и лингвистического разнообразия. Популяции австралийских аборигенов очень разнообразны по языку, хотя все эти языки относятся к одной семье пама-ньюнга. В той же работе секвенировали 25 геномов жителей Папуа Новая Гвинея (с покрытием 38-53x), образцы также были собраны в географически и лингвистически разных группах населения. К ним добавили данные предыдущих исследований о генотипировании австралийских аборигенов и жителей Папуа Новая Гвинея по маркерам [однонуклеотидного полиморфизма \(SNP\)](#).

### **История популяций**

В исследованных геномах авторы нашли следы четырех предковых источников из четырех географических регионов: удаленных — Европа, Восточная Азия и местных — Австралия и Новая Гвинея. Соотношение этих компонентов различается в разных регионах: где-то больше автохтонного (местного) компонента, где-то выше влияние миграций.

Друг с другом австралийские аборигены и папуасы генетически ближе, чем с какими-либо другими народами, и это говорит о том, что они происходят от единой популяции, заселившей Сахул. Найдены признаки эффекта бутылочного горлышка (резкого снижения численности), через которое прошла австрало-папуасская популяция около 50 тыс. лет назад. Все австралийские аборигены отстоят на одинаковое генетическое расстояние от папуасов, что говорит об их одновременном разделении.

Геномы австралийских аборигенов и папуасов продемонстрировали более высокую долю включений древних фрагментов ДНК денисовцев, чем другие неафриканские геномы. Это говорит о генетическом вкладе денисовцев, который они получили около 43 тыс. лет назад, а величина этого вклада оценивается в примерно в 4%. Анализ также продемонстрировал неандертальский генетический вклад, общий для всех неафриканцев, полученный около 60 тыс. лет назад.

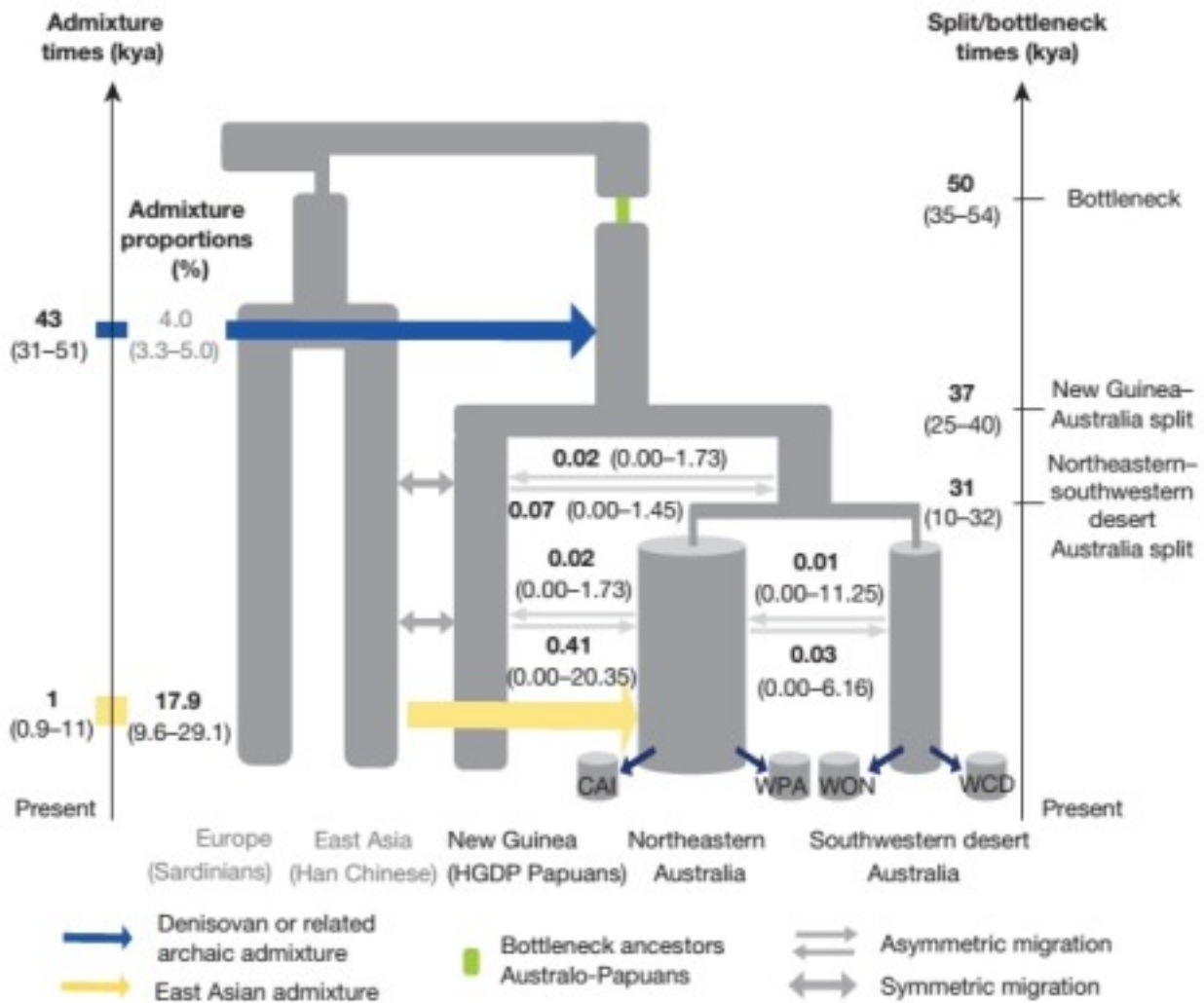
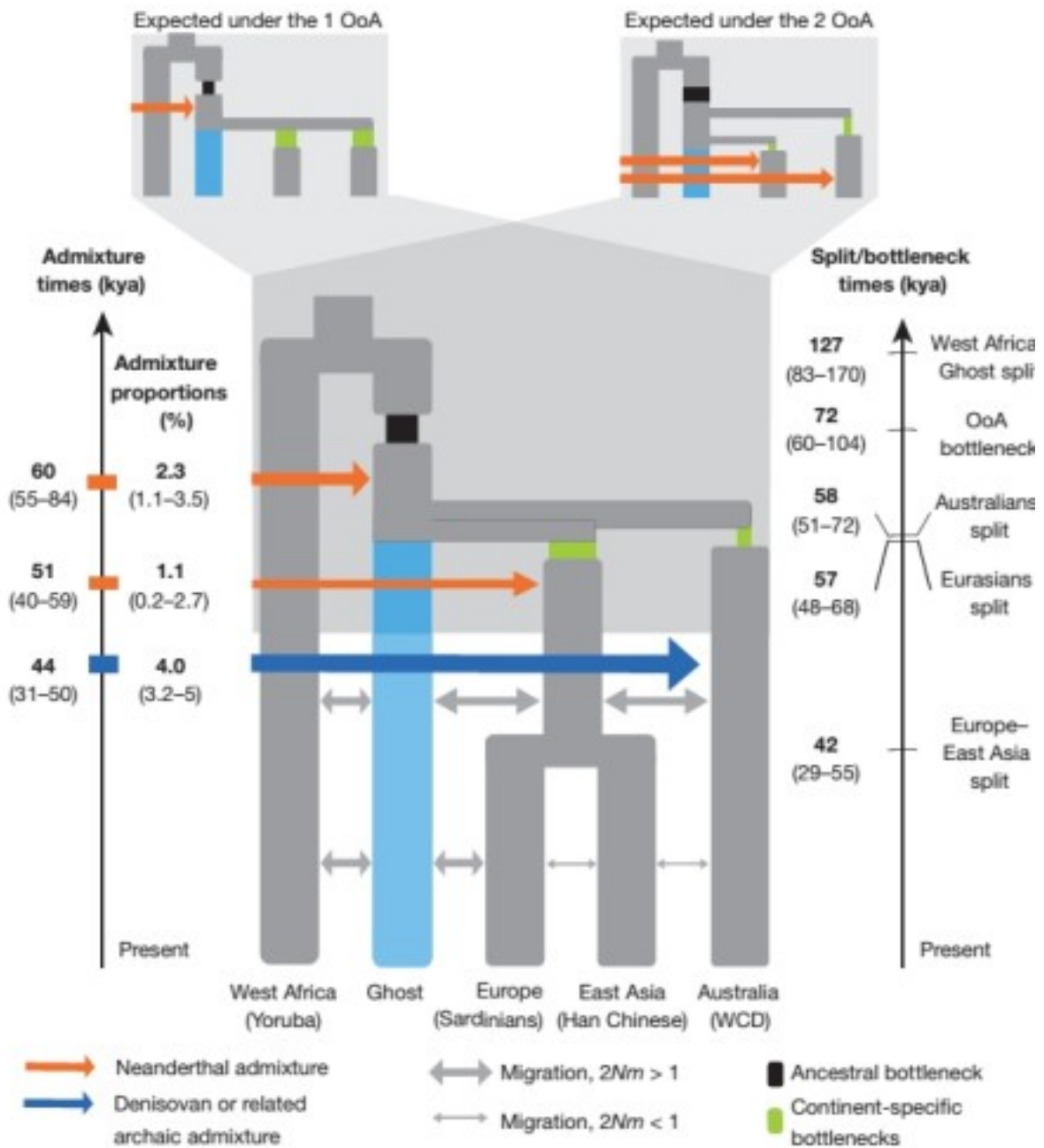


Схема заселения Австралии и Новой Гвинеи. Раннее отделение австралийской ветви от ветви евразийцев; 50 тыс. лет назад – бутылочное горлышко; 43 тыс. лет назад – поток генов от денисовцев (синяя стрелка); 37 тыс. лет назад – разделение популяции на ветви папуасов и австралийцев; 31 тыс. лет назад – разделение австралийской ветви на северо-восточную и юго-западную; желтая стрелка – поток генов из Юго-Восточной Азии.

На рисунке представлена предлагаемая авторами схема заселения Австралии и Новой Гвинеи. По этой схеме от потока миграции из Африки отделилась ветвь, которая достигла Сахулы, около 50 тыс. лет назад пройдя через бутылочное горлышко. Около 43 тыс. лет назад она получила поток генов от денисовцев (синяя стрелка). Около 37 тыс. лет назад единая популяция разделилась на предков папуасов Новой Гвинеи и австралийцев. Около 31 тыс. лет назад популяция австралийских аборигенов разделилась, в свою очередь, на северо-восточную и юго-западную популяции. Наконец, желтой стрелкой обозначен поток генов, который северо-восточная популяция австралийских аборигенов получила из Юго-Восточной Азии.

## Выход из Африки

Решение ключевого вопроса о числе волн выхода из Африки – одна или две – в статье предлагается с большими оговорками. Если учитывать только современные геномы, пишут авторы, то результаты говорят в пользу двух независимых волн, от которых произошли евразийские и австрало-новогвинейские популяции, причем первая волна вышла из Африки примерно на 14 тыс. лет раньше, чем вторая. Если же брать в расчет включения в современный геном древних фрагментов неандертальского и денисовского происхождения, общее бутылочное горлышко, через которое прошли мигранты из Африки, и совпадающее по времени разделение евразийской и австралийской ветвей, то результаты свидетельствуют в пользу одной волны. Так что в итоге авторы склоняются к модели одной волны выхода из Африки и полагают, что ветвь австрало-папуасов отделилась от предков остальных неафриканцев очень рано, примерно 58 тыс. лет назад. Эта схема отражена на следующем рисунке.



Из двух моделей одной и двух волн выхода из Африки (верхние рисунки) подтверждена модель одной волны (нижний рисунок). Показана популяция мигрантов (Ghost), рано отделившаяся от популяций Западной Африки (йоруба), после выхода из Африки прошедшая через бутылочное горлышко (обозначено черным); 58 тыс. лет назад – разделение на ветки евразийцев и австрало-папуасов; бутылочные горлышки на этих ветвях обозначены зеленым; оранжевые стрелки – потоки генов от неандертальцев, синяя стрелка – поток генов от денисовцев.

При этом по анализу MSMC группа Виллерслева получила результат, что африканская популяция йоруба и австрало-папуасы имеют более недавних общих предков, чем йоруба и евразийцы. Такой же результат получила эстонская группа. Но если эстонская группа это основание достаточным для вывода, что папуасы несут след от более ранней миграции из Африки, то группа Виллерслева не пришла к такому выводу.

Взятые вместе, пишут авторы, результаты анализа говорят о разделении единой волны миграции, единой предковой популяции на ветви австрало-папуасов и евразийцев. Но при этом они подчеркивают, что не исключают наличие ранней волны миграции из Африки, но если она и была, то оставила очень малый след в геномах австрало-папуасов. Так что, выходит, группа Виллерслева не противоречит и эстонской группе, которая нашла этот малый след ранней миграции – около 2% — в геноме папуасов.

## География, гены и языки

Изучив разнообразие геномов из разных регионов Австралии, авторы нашли несколько интересных закономерностей. Прежде всего, они показали, что европейский компонент выявляется прежде всего в Y-хромосомном генофонде австралийских аборигенов, что означает легко интерпретируемое преобладание вклада европейских мужчин, но не женщин. Эту закономерность отмечали и предыдущие исследователи, анализирующие Y-хромосомы. Основной приток европейских генов был получен в конце XVIII века (примерно 10 поколений назад) что соответствует историческим источникам.

Четко проявилась зависимость генетического разнообразия от географии: северо-восточные и юго-западные популяции Австралии формируют два кластера, а популяции в центре материка генетически оказываются посередине. Характерно, что потоки генов между популяциями главным образом шли по побережью, а внутренняя область с ее пустынным ландшафтом служила барьером для миграций.

Авторы построили лингвистическое дерево для 28 языков, относящихся к семье пама-ньюнга, и сравнили его с генетическим деревом. Оба типа дерева показали очень хорошее соответствие друг с другом. На лингвистическом дереве северо-восточные и юго-западные группы также формируют два отдельных кластера, а центральные группы находятся между ними. Лингвистические расстояния коррелируют с географическими расстояниями между популяциями. Из этого следует, что разнообразие языков в пределах Австралии следует за географией, как часто происходит и в других частях мира. Когда популяции, проживающие в разных районах, утрачивают контакты друг с другом, в языках накапливаются различия, и они расходятся и лингвистически, и генетически. Дерево языков пама-ньюнга разветвлялось в течение последних 6 тыс. лет, и в результате, лингвистическое дерево повторяет популяционную структуру.

Наконец, исследователи проследили, какие аллели в австралийских популяциях меняли свою частоту в разных экологических регионах Австралии под действием естественного отбора. В топе таких генов оказались гены, ассоциированные с системой тироидных гормонов и уровнем мочевой кислоты в плазме: те и другие имеют отношение к адаптации австралийских аборигенов к жизни в пустыне.

*текст: Надежда Маркина*

### Источник:

A genomic history of Aboriginal Australia

Anna-Sapfo Malaspinas, Michael C. Westaway,..... David M. Lambert & Eske Willerslev

Полный список авторов и аффилиации по ссылке <http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/full/nature18299.html>